

FIGURE 210

GGGTACCATTTCTGCGCTGCTGCAAGTTACGGAATGAAAAATTAGAACAACAGAAACATGGAACCATGTTTCCTTC
AGTCGTCAATGCTGACCTGCATTTTCTGCTAATATCTGGTTCTGTGAGTTATGCGCCGAAGAAAAATTTTCTA
GAAGCTATCCTTGTGATGAGAAAAAGCAAAATGACTCAGTTATTGCAGAGTGCAGCAATCGTCGACTACAGGAAG
TTCCCCAAACGGTGGGCAAAATATGTGACAGAACTAGACCTGTCTGATAATTTTCATCACACACATAACGAATGAAT
CATTTCAAGGGCTGCAAAATCTCACTAAAATAAATCTAAACCACAACCCCAATGTACAGCACCAGAACCGGAAATC
CCGGTATACAATCAAAATGGCTTGAATATCACAGACGGGGCATTCTCAACCTAAAAAACCTAAGGGAGTTACTGC
TTGAAGACAACCAAGTTACCCCAATACCCCTCTGGTTTGCCAGAGTCTTTGACAGAACTTAGTCTAATTCAAAACA
ATATATACAACATAACTAAAGAGGGCATTTCAAGACTTATAAACTTGAAAAATCTCTATTTGGCCTGGAACTGCT
ATTTTAACAAAGTTTGCGAGAAAACTAACATAGAAGATGGAGTATTTGAAACGCTGACAAATTTGGAGTTGCTAT
CACTATCTTTCAATTCTCTTTCACACGTGCCACCCAACTGCCAAGCTCCCTACGCAAACTTTTTCTGAGCAACA
CCAGATCAAAATACATTAGTGAAGAAGATTTCAAGGGATTGATAAATTTAACATTACTAGATTTAAGCGGGAACT
GTCCGAGGTGCTTCAATGCCCATTTCCATGCGTGCCTTGTGATGGTGGTGCCTTCAATTAATATAGATCGTTTGT
CTTTTCAAACTTGACCCAACTTCGATACCTAAACCTCTCTAGCACTTCCCTCAGGAAGATTAAATGCTGCCCTGGT
TTAAAAATATGCCTCATCTGAAGGTGCTGGATCTTGAATTAACCTATTTAGTGGGAGAAATAGTCTCTGGGGCAT
TTTTAACGATGCTGCCCGCTTAGAAATACTTGACTTGTCTTTTAACTATATAAAGGGAGTTATCCACAGCATA
TTAATATTTCCAGAACTTCTCTAACTTTTGTCTCTACGGGCACTTGCAATTTAAGAGGTTATGTTCCAGGAAC
TCAGAGAAGATGATTTTCCAGCCCTGATGCAGCTTCCAAACTTATCGACTATCAACTTGGGTATTAATTTTATTA
AGCAATCGATTTCAAACCTTTCCAAATTTCTCCAATCTGGAAATTAATTTACTTGTGAGAAAACAGAAATATCAC
CGTTGGTAAAAGATACCCGGCAGAGTTATGCAAAATAGTTTCTCTTTTCAACGTCATATCCGGAAACGACGCTCAA
CAGATTTTGAAGTTTGACCCACATTCGAACCTTTTATCATTTTCAACCGTCTTTTAAATAAGCCACAATGTGCTGCTT
ATGGAAGCCCTTAGATTTAAGCCTCAACAGTATTTTCTTATTGGGCCAAACCAATTTGAAATCTTCCCTGACA
TTGCCCTGTTTAAATCTGTCTGCAAAATAGCAATGCTCAAGTGTTAAGTGGAACTGAATTTTCAGCCATTCCCTCATG
TCAAAATATTTGGATTTTGACAAACAATAGACTAGACTTTGATAATGCTAGTGTCTTACTGAATTTGCTCGACTTGG
AAGTTCTAGATCTCAGCTATAATTCACACTATTTCAGAATAGCAGGCGTAACACATCATCTAGAATTTATTCAA
ATTTCACAAATCTAAAGTTTAAACCTTGAGCCACAACAACATTTTATACTTTAACAGATAAGTATAACCTGGAAA
GCAAGTCCCTGGTAGAATTAGTTTTCAGTGGCAATCGCCTTGACATTTTGTGGAATGATGATGACAACAGGTATA
TCTCCATTTTCAAAGGTCTCAAGAATCTGACACGTCTGGATTTATCCCTTAATAGGCTGAAGCACATCCCAAATG
AAGCATTCCTTAATTTGCCAGCGAGTCTCACTGAACATACATAAATGATAATATGTTAAAGTTTTTTAACTGGA
GTTTCTTCAGTTCCTTTATCACCACATGGTTATGTTGGCTGCCCTGGCTCACCATTGTTTTTACTGGGATGTTT
GGTTTATATATAATGTGTGTTTAGCTAAGGTAAGGCTACAGGTCTCTTTCCACATCCCAAACCTTTCTATGATG
CTTACATTTCTTATGACACCAAGATGCCTCTGTACTGACTGGGTGATAAATGAGCTGCGCTACCACCTTGAAG
AGAGCCGAGACAAAACGTTCTCCTTTGTCTAGAGGAGAGGGATTGGGACCCGGGATTGGCCATCATCGACAACC
TCATGCAAGCATCAACCAAGCAAGAAAACAGTATTTGTTTTAAACCAAAAATATGCAAAAAGCTGGAACCTTTA
AAACAGCTTTTTTACTTTGGCTTTGCGAGGGCTAATGGATGAGAACATGGATGTGATTATATTTTATCCTGCTGGAGC
CAGTGTTACAGCATTCTCAGTATTTGAGGCTACGGCAGCGGATCTGTAAGAGCTCCATCCTCCAGTGGCCTGACA
ACCCGAAGGCAGAAGGCTTGTGTTTTGGCAAACTCTGAGAAATGTGGTCTTGACTGAAAATGATTACGGGTATAACA
ATATGTATGTCGATTCCATTAAGCAATACCTAAGTACGCTTAAGTCATGATTTTCGCGCCATAATAAAGATGCAAG
GAATGACATTTCTGTATTAGTTATCTATTGCTATGTAACAAATATCCCAAACTTAGTGGTTTTAAACAACACA
TTTGCTGGCCACAGTTTTTGGGGTCCAGGATCCAGGCCAGCATAACTGGGTCTCTGCTCAGGGTGTCTCAG
AGGCTGCAATGTAGGTGTTTACCAGAGACATAGGCATCACTGGGGTCACACTCATGTGGTTGTTTTCTGGATTCA
ATTCTCTGGGCTATTGGCCAAAGGCTATACCTCATGTAAGCCATGCGAGCCTCTCCACAAGGCAGCTTGCTTC
ATCAGAGCTAGCAAAAAGAGAGGTTGCTAGCAAGATGAAGTCACAATCTTTTGTAAATCGAATCAAAAAGTGAT
ATCTCATCACTTTGGCCATATTCTATTTGTTAGAAAGTAAACCACAGGTCCACCAGCTCCATGGGAGTGACCACC
TCAGTCCAGGGAAAACAGCTGAAGACCAAGATGGTGAGCTCTGATTGCTTCAGTTGGTCATCAACTATTTTCCCT
TGACTGCTGTCTGGGATGGCCTGCTATCTTGATGATAGATTGTGAATATCAGGAGGCAGGGATCACTGTGGACC
ATCTTAGCAGTTGACCTAACACATCTTCTTTTCAATATCTAAGAACTTTTGCCACTGTGACTAATGGTCTCTAATA
TTAAGCTGTTGTTTTATATTTATCATATATCTATGGCTACATGTTTATATTATGCTGTGGTTGCGTTTCTGTTTAT
TTACAGTTGCTTTTACAAATATTTGCTGTAACTTTGACTTCTAAGGTTTAGATGCCATTTAAGAACTGAGATGG
ATAGCTTTTAAAGCATCTTTTACTTCTTACCATTTTTTAAAGTATGCAAGCTAAATTCGAAGCTTTTGGTCTATA
TTGTTAATTGCCATTGCTGTAAATCTTAAATGAATGAATAAATGTTTCATTTTACAAAAA

FIGURE 211

MENMFLQSSMLTCIFLLISGSCELCAEENFSRSPCDEKKQNDSVIAECSNRRLQVEVPQTVG
KYVTELDLSDNFITHITNESFQGLQNLTKINLNHNPNVQHONGNPGIQSNGLNITDGAFNLN
KNLRELLLEDNQLPQIPSGLPESLTELSLIQNNIYNITKEGISRLINLKNLYLAWNCYFNKV
CEKTNIEDGVFETLTNLELLSLSFNLSHVPPKLPSSLRKLFLSNTQIKYISEEDFKGLINL
TLDDLSGNCPRCFNAPFPCVPCDGGASINIDRFAFQNLTLQRLYNLSSTSLRKINAAWFKNM
PHLKVLDLEFNILVGEIVSGAFLTMLPRLEILDLSFNYIKGSYPQHINISRNFSKLLSLRAL
HLRGYVFQELREDDFQPLMQLPNLSTINLGINFIKQIDFKLFQNFNLEI IYLSENRISPLV
KDTRQSYANSSSFQRHIRKRRSTDFEFDPHSNFYHFTRPLIKPQCAAYGKALDLSLNSIFFI
GPNQFENLPDIACLNLSANSNAQVLSGTEFSAIPHVKYLDLTNNRLDFDNASALTELSDLEV
LDLSYNSHYFRIAGVTHHLEFIQNFTNLKVLNLSHNNIYTTLTDKYNLESKSLVELVFSGNRL
DILWNDDDNRYISIFKGLKNLTRLDSLNLRLKHIPNEAFLNLPASLTElhINDNMLKFFNWT
LLQQFPRLLELLDLRGNKLLFLTDSLSDFTSSLRTLLLSHNRISHLPSGFLSEVSSLKHLDL
SNLLKTINKSALETKTTTKLSMLELHGPNPFECTCDIGDFRRWMDEHLNVKIPRLVDVICASP
GDQRGKSIVSLELTTCVSDVTAVILFFFFTFFITTMVMLAALAHHLFYWDVWFIYNVCLAKVK
GYRSLSTSQTfyDAYISYDTKDasVTDWVINELRYHLEESRDKNVLLCLEERDWDpGLAIID
NLMQsinQSKKTvfVLTkKYAKSWNFkTAFYLALQRLMDENMDViiFILLEPVLQHSQYLRL
RQRICKSSILQWPDNPkAEGlFWQTLrNVVLTENDSRyNNMYVDSIKQY

Signal sequence:

amino acids 1-26

Transmembrane domain:

amino acids 826-848

FIGURE 212

CCAGGTCCAACCTGCACCTCGGTTCTATCGATTGAATTCCCCGGGGATCCTCTAGAGATCCCT
CGACCTCGACCCACGCGTCCGCCAAGCTGGCCCTGCACGGCTGCAAGGGAGGCTCCTGTGGA
CAGGCCAGGCAGGTGGGCCTCAGGAGGTGCCTCCAGGCGGCCAGTGGGCCTGAGGCCCCAGC
AAGGGCTAGGGTCCATCTCCAGTCCCAGGACACAGCAGCGGCCACCATGGCCACGCCTGGGC
TCCAGCAGCATCAGCAGCCCCCAGGACCGGGGAGGCACAGGTGGCCCCCACCACCCGGAGGA
GCAGCTCCTGCCCCCTGTCCGGGGGATGACTGATTCTCCTCCGCCAGGCCACCCAGAGGAGAA
GGCCACCCCGCCTGGAGGCACAGGCCATGAGGGGCTCTCAGGAGGTGCTGCTGATGTGGCTT
CTGGTGTTGGCAGTGGGCGGCACAGAGCACGCCTACCGGCCCCGGCCGTAGGGTGTGTGCTGT
CCGGGCTCACGGGGACCCCTGTCTCCGAGTCGTTTCGTGCAGCGTGTGTACCAGCCCTTCCTCA
CCACCTGCGACGGGCACCGGGCCTGCAGCACCTACCGAACCATCTATAGGACCGCCTACCGC
CGCAGCCCTGGGCTGGCCCCCTGCCAGGCCTCGCTACGCGTGCTGCCCCGGCTGGAAGAGGAC
CAGCGGGCTTCCTGGGGCCTGTGGAGCAGCAATATGCCAGCCGCCATGCCGGAACGGAGGGA
GCTGTGTCCAGCCTGGCCGCTGCCGCTGCCCTGCAGGATGGCGGGGTGACACTTGCCAGTCA
GATGTGGATGAATGCAGTGCTAGGAGGGGCGGCTGTCCCCAGCGCTGCATCAACACCGCCGG
CAGTTACTGGTGCCAGTGTTGGGAGGGGCACAGCCTGTCTGCAGACGGTACACTCTGTGTGC
CCAAGGGAGGGCCCCCAGGGTGGCCCCCAACCCGACAGGAGTGGACAGTGCAATGAAGGAA
GAAGTGCAGAGGCTGCAGTCCAGGGTGGACCTGCTGGAGGAGAAGCTGCAGCTGGTGCTGGC
CCCACTGCACAGCCTGGCCTCGCAGGCACTGGAGCATGGGCTCCCGGACCCCGGCAGCCTCC
TGGTGCACCTCCTTCCAGCAGCTCGGCCGCATCGACTCCCTGAGCGAGCAGATTCCTTCCTG
GAGGAGCAGCTGGGGTCTGTCTCTGCAAGAAAGACTCGTGACTGCCCAGCGCCCCAGGCTG
GACTGAGCCCCCTCACGCCGCCCTGCAGCCCCCATGCCCCTGCCCAACATGCTGGGGGTCCAG
AAGCCACCTCGGGGTGACTGAGCGGAAGGCCAGGCAGGGCCTTCCTCCTCTTCCTCCTCCCC
TTCCTCGGGAGGCTCCCCAGACCCTGGCATGGGATGGGCTGGGATCTTCTCTGTGAATCCAC
CCCTGGCTACCCCCACCCTGGCTACCCCAACGGCATCCCAAGGCCAGGTGGGCCCTCAGCTG
AGGGAAGGTACGAGCTCCCTGCTGGAGCCTGGGACCCATGGCACAGGCCAGGCAGCCCGGAG
GCTGGGTGGGGCCTCAGTGGGGGCTGCTGCCTGACCCCCAGCACATAAAAAATGAAACGTGA
AAAGGGCGGCCGCGACTCTAGAGT
CGACCTGCAGAAGCTTGGCCGCCATGGCCCAACTTGTTTATTGCAGCTTATAATGGTTACAAAT